

## **Wie kann man dem Einfluss des Klimawandels auf den Blühzeitpunkt züchterisch entgegen wirken<sup>1)</sup>**

Anna SCHWANDNER, Iris OCHSSNER, Reinhard TÖPFER und Ludger HAUSMANN

Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof, Siebeldingen

### **Die Auswirkung des Klimawandels auf die phänologische Entwicklung der Weinrebe**

Die geografische Anbaueignung sowie die Auswirkungen auf Ertrag und Qualität im Weinbau sind weitgehend klimatisch bedingt (SCHULTZ *et al.* 2009, ORDUNA 2010). Mit dem sich veränderndem Klima findet ein Wandel der Standortbedingungen und infolgedessen auch der phänologischen Entwicklung der Weinrebe statt. Das Einsetzen der Vegetationsperiode ist abhängig vom Erreichen eines Schwellenwertes der Tagesmitteltemperatur (10 °C; WINKLER *et al.* 1974). Die Temperatur ist damit der Umweltfaktor mit dem größten Einfluss auf das Rebenwachstum (SCHULTZ *et al.* 2012, BUTTROSE und HALE 1973). Mit steigender Temperatur werden Wachstum und Entwicklung beschleunigt, bis hin zu einem spezifischen Temperaturoptimum. Die in den vergangenen Jahrzehnten stattgefundene atmosphärische Erwärmung hat bereits zu einer Ausdehnung dieser thermischen Vegetationsperiode geführt, die deutlich durch einen früher eintretenden Knospenaustrieb zu erkennen ist. Kritische Folgen dieses verfrühten Vegetationsbeginns zeigten sich zuletzt im Jahr 2017: in Verbindung mit dem Auftreten von Spätfrostereignissen Ende April führte dies zu weitreichenden Triebsschäden und entsprechenden Ernteausfällen im Herbst. Der Trend zur thermisch bedingten zeitlichen Verschiebung des Vegetationsbeginns wird in den kommenden Jahrzehnten weiter anhalten. Für die Mitte des 21. Jahrhunderts wurde eine weitere Verfrühung des Austriebs um 14 Tage prognostiziert, die mit einer deutlichen Zunahme des durchschnittlichen Spätfrosttrisikos einhergeht (WODINSKI 2006, KARTSCHALL *et al.* 2015). Neben dem Knospenaustrieb zu Beginn der Vegetationsperiode findet auch eine Vorverlegung weiterer phänologischer Stadien statt. So finden heute am Geilweilerhof in der Südpfalz sowohl die Reblüte als auch der Beginn der Beerenreife (Véraison) bis zu drei Wochen früher statt als noch vor 30 Jahren (Abb. 1). Die frühere Beerenreife unter wärmeren Bedingungen beeinflusst die Inhaltsstoffbildung wahrnehmbar und wirkt sich negativ auf die Weinqualität aus. Das „Ausnahmejahr“ 2003, welches sich durch Rekordtemperaturen und extreme Trockenheit auszeichnete (CHUINE *et al.* 2004), lieferte einen Ausblick auf die Veränderungen, die sich mit der weiteren globalen Erwärmung ergeben werden: verfrühte Reifetermine sowie eine kurze Reifephase und Weine mit hohem Alkoholgehalt, niedriger Säure und unharmonischem Geschmack (ORDUNA 2010; SCHULTZ *et al.* 2012).

Auf längere Sicht wird der fortwährende Temperaturanstieg zu einer Verschiebung der Anbaugrenzen nach Norden und in höhere Lagen führen (SCHULTZ *et al.* 2012, FRAGA *et al.* 2013). Zunächst ergibt sich damit die Möglichkeit, neue Regionen für den Weinbau zu erschließen. Jedoch werden letztendlich für die Gebiete, die sich bereits näher am klimatischen Maximum befinden, neue Anbaustrategien und eine Verschiebung im Sortenspektrum (vermehrt südliche Sorten) unumgänglich sein (DUCHENE *et al.* 2010, KENNY

<sup>1)</sup> Abdruck einer überarbeiteten Fassung, mit freundlicher Genehmigung des Deutschen Weinbaujahrbuchs.

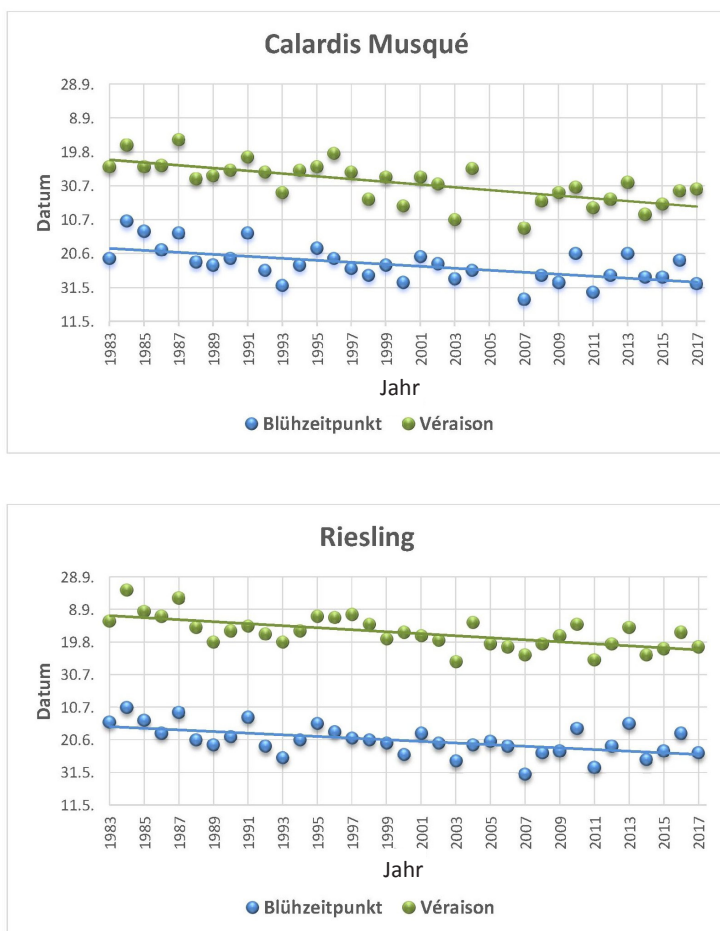


Abb. 1: Datum der Vollblüte (Blühzeitpunkt) und des Reifebeginns (Véraison) der Sorten CALARDIS MUSQUÉ und RIESLING in den letzten 34 Jahren am Geilweilerhof in Siebeldingen. Ein Trend zur Verfrühung der beiden phänologischen Stadien um mehrere Wochen ist deutlich erkennbar.

und HARRISON 1993, SCHULTZ 2000). Die Züchtung neuer Sorten mit einer entgegen der thermischen Vegetationsperiode späteren Entwicklung bei gleichzeitig hoher Qualität bietet die Möglichkeit, in besonders betroffenen Gebieten weiterhin Qualitätsweinbau zu betreiben und damit zumindest teilweise die regionale Identität zu erhalten.

Neben den Umweltbedingungen, die nur sehr eingeschränkt beeinflussbar sind, spielt die genetische Disposition einer Rebsorte eine entscheidende Rolle beim zeitlichen Verlauf der Entwicklung. So blüht und beginnt RIESLING mit der Reife über die Jahre regelmäßig später als der mittlerweile mit dem Namen CALARDIS MUSQUÉ zur Sorte angemeldete Zuchtstamm GF.GA-47-42, der am selben Standort aufgepflanzt und bonitiert wurde (Abb. 1). Da ein Zusammenhang zwischen Verfrühung der Blüte und der Beerenreife zu bestehen scheint, ist es wichtig, dass parallel zur Erforschung des Reifezeitpunktes auch der Blühzeitpunkt der Weinrebe untersucht wird. Der Anbau von

Rebsorten, die genetisch bedingt später blühen, könnte somit den Weinbaugebieten helfen, die auf Grund des Klimawandels verstärkt spätfrostgefährdet sind.

Im Zuge der Züchtung neuer Rebsorten sollen Resistenzen gegen biotische und abiotische Schad- und Stressfaktoren sowie förderliche morphologische Merkmale zusammengeführt werden, und zwar stets in Kombination mit hoher Weinqualität (TÖPFER *et al.* 2011). Um die Züchtung neuer, genetisch bedingt später blühender Rebsorten zu beschleunigen, soll die Strategie der sogenannten „Marker-gestützten Selektion“ (MAS) auch für das Merkmal des Blühzeitpunktes eingesetzt werden. Bei dieser Technik wird mit molekularen Markern, die mit einem bestimmten Merkmal gekoppelt sind, direkt das Erbgut (Genom) junger Reben-Sämlinge untersucht. Dadurch können die Kreuzungsnachkommen selektiert werden, die die Genorte eines bestimmten Merkmals geerbt haben. MAS wird bereits sehr erfolgreich für die Detektion von Resistenzmerkmalen (Echter und Falscher Mehltau) im Zuchtmaterial eingesetzt (EIBACH *et al.* 2007). Mit molekularen Markern, die mit dem Blühzeitpunkt korrelieren, könnte neues spätblühendes Zuchtmaterial schon sehr früh erkannt und zur weiteren Kultivierung selektiert werden. Dies bedeutet eine enorme Kosten-, Platz- und vor allem Zeitersparnis, da der Blühzeitpunkt der Reben in der Regel frühestens nach 3-5 Jahren verlässlich bestimmt werden kann. Momentan stehen jedoch noch keine genetischen Marker für das Merkmal Blühzeitpunkt zur Verfügung.

## Genombereiche, die eine Rolle bei der Kontrolle des Blühzeitpunktes spielen

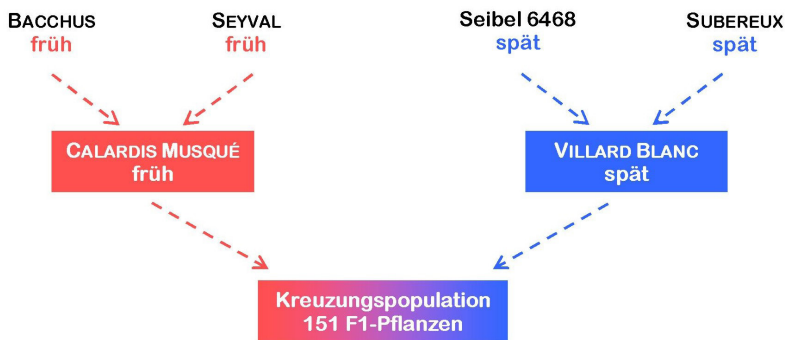


Abb. 2: Kreuzungsschema der Population CALARDIS MUSQUÉ x VILLARD BLANC; die Eltern der Population stellen extreme Blühzeitpunkt-Typen für früh und spät dar, was innerhalb der 150 Individuen der Population zu stufenlos intermediären Blühzeitpunkt-Typen führt.

Ausgangsmaterial für eine solche QTL-Analyse waren 150 Individuen einer Population, die durch Kreuzung des früh blühenden Elters CALARDIS MUSQUÉ (BACCHUS x SEYVAL) mit der spät blühenden Sorte VILLARD BLANC (Seibel 6468 x SUBEREUX) entstanden sind (Abb. 2).

Die unterschiedliche Ausprägung des Merkmals Blühzeitpunkt bei den Elterntypen betrug in den Untersuchungsjahren bis zu zwei Wochen (Abb. 3) und segregiert innerhalb der Nachkommenschaft (FECHTER *et al.* 2014). Es kommen also früh, intermediär und spät blühende Individuen vor, wobei die Ausprägungen innerhalb dieser drei Gruppen fließend sind. Daraus konnte bereits abgeleitet werden, dass kein einfacher dominant-rezessiver, sondern ein polygen bedingter Erbgang vorliegt. Der Blühzeitpunkt der Population wurde mit einem 6-Klassensystem (1 = sehr früh bis 6 = sehr spät) bonitiert und über neun Jahre wiederholt, um die natürlichen, umweltbedingten jährlichen Schwankungen statistisch berücksichtigen zu können.

Mit den QTL-Analysen konnte die Annahme bestätigt werden, dass der Blühzeitpunkt ein polygenes Merkmal ist. Auf der genetischen Karte der Kreuzungspopulation (SCHWANDER, unpubliziert) wurden auf sieben Chromosomen QTLs identifiziert, die einen signifikanten Einfluss auf den Blühzeitpunkt haben (SCHWANDNER *et al.* 2019). Abb. 4 zeigt schematisch die Genombereiche auf dem aus insgesamt 19 Chromosomen bestehenden Rebengenom. Insbesondere scheinen die Genombereiche auf Chromosom 14 und 4 wichtig zu

Um Bereiche im Genom der Weinrebe und darin lokalisierte molekulare Marker zu identifizieren, die mit dem Merkmal Blühzeitpunkt korrelieren, wurde eine sogenannte Quantitative Trait Locus (QTL) Analyse durchgeführt. Bei dieser Methode wird das Vorliegen der molekularen Marker in einer Gruppe von Reben in Abhängigkeit von einer spezifischen Ausprägung des untersuchten Merkmals betrachtet (WELTER *et al.* 2011).



Abb. 3: Blütenstände der Kreuzungseltern am 07.06.2017. Während die früh blühende Sorte CALARDIS MUSQUÉ bereits in der Vollblüte steht (A), befindet sich die spät blühende Sorte VILLARD BLANC noch deutlich vor dem Blühbeginn (B). Die Vollblüte (BBCH 65) ist definiert als das Stadium, in dem 50 % der Blütenköpchen abgefallen sind (Foto: JKI Siebeldingen).

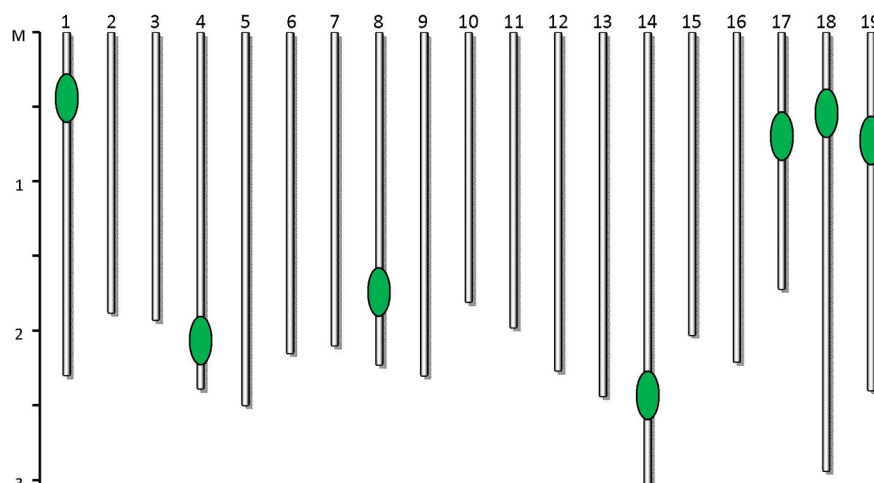


Abb. 4: Schematische Übersicht der chromosomalen Lokalisation von den identifizierten Genombereichen/QTL innerhalb der Population CALARDIS MUSQUÉ x VILLARD BLANC, die einen Einfluss auf die Ausprägung des Blühzeitpunktes haben.

sein, da sie in den mehrjährigen Daten die größte Signifikanz und Reproduzierbarkeit aufwiesen. Da aus anderen Pflanzenarten bereits seit längerem bekannt ist, dass der genetischen Kontrolle des Blühzeitpunktes ein komplexes Netzwerk an zusammenspielenden Faktoren zugrunde liegt (BLÜMEL *et al.* 2015), ist es nicht verwunderlich, dass auch in der Weinrebe mehrere Genombereiche eine Rolle hierbei spielen.

### Entwicklung genetischer Marker für die Marker-gestützte Selektion (MAS) des Blühzeitpunktes

Die molekularen Marker kommen je nach genetischer Herkunft in verschiedenen Varianten, den Allelen, vor. Für eine genauere Analyse der Blühzeitpunkt-Marker-Assoziation wurden die auftretenden Allele von Markern innerhalb der beiden prägnantesten QTL auf Chromosom 14 und 4 mit den Blühzeitpunkt-Bonituren in Beziehung gesetzt. Abb. 5 zeigt die relative Anzahl der Individuen der untersuchten Population mit einer bestimmten Allel-Variante bzw. Allel-Kombination, aufgeteilt auf die 6 Blühklassen. Die Allele „4+“ und „14+“ waren dabei nach den Ergebnissen der QTL-Untersuchungen mit einer frühen Blüte assoziiert. Trugen die Individuen nur in einem Marker diese Ausprägungen (4+/14- und 4-/14+), konnte keine deutliche Tendenz zu einer frühen Blüte festgestellt werden. Waren jedoch beide mit früher Blüte assoziierten Allele (4+/14+) vorhanden, so blühten die Individuen noch deutlich früher. Es treten folglich additive Effekte zwischen den identifizierten Genombereichen auf, das heißt sie agieren gemeinsam bei der Kontrolle des Blühzeitpunktes der Weinrebe.

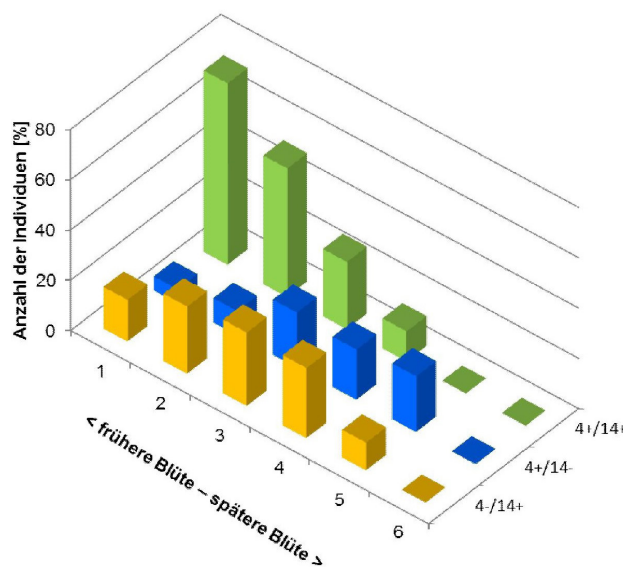


Abb. 5: Anzahl der Individuen der Population CALARDIS MUSQUÉ x VILLARD BLANC (in Prozent, Y-Achse) innerhalb der Blühklassen (X-Achse, 1 = sehr früh blühende Individuen, 6 = sehr spät blühende Individuen), die je eine (4+/14- und 4-/14+) oder beide (4+/14+) mit früher Blüte assoziierten Allelformen innerhalb der Blühzeitpunkt-QTL auf Chromosom 4 und 14 aufweisen.

Komponente des Merkmals Blühzeitpunkt zu beeinflussen. In der hier vorgestellten Kreuzungspopulation waren die mit früher Blüte assoziierten Allel-Varianten deutlich einfacher zu identifizieren als die mit später Blüte assoziierten Allele. Bei der Nutzung dieser Ergebnisse in der Züchtung kann man daher mit den molekularen Markern effektiv gegen „frühen Blühzeitpunkt“ selektieren.

### Ausblick

Noch ist die Untersuchung von molekularen Markern, die sich für eine Marker-gestützte Selektion des Blühzeitpunktes eignen, nicht abgeschlossen. Ein nächster Schritt wird die Untersuchung der bisher identifizierten Marker, die sich innerhalb der untersuchten Kreuzungspopulation für eine MAS des Blühzeitpunktes eignen, auf ihre allgemeine Anwendbarkeit sein. Es muss getestet werden, ob sie auch in Reben mit unterschiedlichen genetischen Hintergründen zu einem klaren Ergebnis führen, also eindeutig mit einem spezifischen Blühzeitpunkt assoziiert sind. Ferner wären für die MAS in der Züchtung neben Markern für bzw. gegen „frühe Blüte“ auch Marker für „späte Blüte“ wünschenswert. Molekulare Marker, die innerhalb eines genetisch diversen Sets an Rebsorten eine enge Kopplung zum Blühzeitpunkt zeigen, können letztendlich zur gezielten und beschleunigten Einkreuzung eines genetisch bedingten späteren Blühens genutzt werden. Sie leisten damit einen wichtigen Beitrag, der fortschreitenden globalen Erwärmung züchterisch entgegenzuwirken.

### Literatur

- BLÜMEL, M.; DALLY, N.; JUNG, C.; 2015: Flowering time regulation in crops - what did we learn from *Arabidopsis*? Curr. Opin. Biotechnol. **32**, 121-129.
- BUTTROSE, M. S.; HALE, C. R.; 1973: Effect of temperature on development of the grapevine inflorescence after bud burst. Am. J. Enol. Vitic. **24**, 14-16.
- CHUINE, I.; YIOU, P.; VIOVY, N.; SEGUIN, B.; DAUX, V.; LE ROY, LADURIE, E.; 2004: Grape ripening as a past climate indicator. Nature **432**, 289-299.
- DUCHÊNE, E.; HUARD, F.; DUMAS, V.; SCHNEIDER, C.; MERDINOGLU, D.; 2010: The challenge of adapting grapevine varieties to climate change. Clim. Res. **41**, 193-204.
- EIBACH, R.; ZYPRIAN, E.; WELTER, L.; TÖPFER, R.; 2007: The use of molecular markers for pyramiding resistance genes in grapevine breeding. Vitis **46**, 120-124.
- FECHTER, I.; HAUSMANN, L.; ZYPRIAN, E.; DAUM, M.; HOLTGRÄWE, D.; WEISSHAAR, B.; TÖPFER, R.; 2014: QTL analysis of flowering time and ripening traits suggests an impact of a genomic region on linkage group 1 in *Vitis*. Theor. Appl. Genet. **127**, 1857-1872.
- FRAGA, H.; MALHEIRO, A. C.; MOUTINHO-PEREIRA, J.; SANTOS, J.A.; 2013: Future scenarios for viticultural zoning in Europe: ensemble projections and uncertainties. Int. J. Biometeorol. **57**, 909-925.
- KARTSCHALL, T.; WODINSKI, M.; RACHIMOW, C.; WERNER, P. C.; STOCK, M.; BLOH, W. VON; 2015: Weinbau in der Internetplattform [www.klimafolgenonline.com](http://www.klimafolgenonline.com). Deutsches Weinbau-Jahrbuch 2015, **66**, 189-196.
- KENNY G. H.; HARRISON, P. A.; 1993: The effects of climatic variability and change on grape suitability in Europe. J. Wine Res. **4**, 163-183.
- ORDUNA, R. M. DE; 2010: Climate change associated effects on grape and wine quality and production. Food Res. Int. **43**, 1844-1855.
- SCHULTZ, H. R.; 2000: Climate Change and Viticulture: An European perspective on climatology, carbon dioxide and UV-B effects. Aust. J. Grape Wine Res. **6**, 2-12.

- SCHULTZ, H. R.; HOFMANN, M.; JONES, G.; 2009: Weinbau im Klimawandel: Regionen im Umbruch. Klimastatusbericht, 12-20.
- SCHULTZ, H. R.; HOPPMANN, D.; HOFMANN, M.; 2012: Der Einfluss klimatischer Veränderungen auf die phänologische Entwicklung der Rebe, die Sorteneignung sowie Mostgewicht und Säurestruktur der Trauben. Beitrag zum Integrierten Klimaschutzprogramm des Landes Hessen (InKlim 2012) des Fachgebiets Weinbau der Forschungsanstalt Geisenheim.
- SCHWANDNER, A.; OCHSSNER, I.; HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.; 2019: Determination of genetic loci in the control network of grapevine flowering. *Acta Hort.* **1248**, 331-336.
- TÖPFER, R.; HAUSMANN, L.; HARST, M.; MAUL, E.; ZYPRIAN, E.; EIBACH, R.; 2011: New horizons for grapevine breeding. In: H. FLACHOWSKY, M. V. HANKE (Eds): *Methods in temperate fruit breeding. Fruit, Veget. Cereal Sci. Biotechnol.* **5** (Special Issue 1), 79-100.
- WELTER, L. J.; GRANDO, M. S.; ZYPRIAN, E.; 2011: Basics of Grapevine Genetic Analysis. In: A. F. ADAM-BLONDON, J. M. MARTINEZ-ZAPATER, C. KOLE (Eds.): *Genetics, Genomics and Breeding of Grapes*, 137-159. CRC Press, Boca Raton, FL, USA.
- WINKLER, A. J.; COOK, J.A.; KLIEWER, W.M.; LIDER, L.A.; CERRUTI, L.; 1974: *General Viticulture*. University of California Press.
- WODINSKI, M.; 2006: Perspektiven der Klimaänderung bis 2050 für den Weinbau. *geilweilerhof aktuell* **34**, 21-26.
- ZYPRIAN, E.; EIBACH, R.; TRAPP, O.; SCHWANDER, F.; TÖPFER, R.; 2018: Grapevine breeding under climate change: Applicability of a molecular marker linked to véraison. *Vitis* **57**, 119-123.